UNA CRÍTICA DE LOS ARGUMENTOS ACTUALES EN CONTRA DEL DISEÑO INTELIGENTE (DI), Y LAS RESPUESTAS DEL DI A ESTOS

Leonard Brand*

* Profesor de Biología y Paleontología
Universidad de Loma Linda

Tabla de contenidos

RESUMEN 2

FILOSOFÍA DE LA CIENCIA 2

VALORACIÓN DE LOS ARGUMENTOS 3

- Información biológica 4
- Complejidad irreducible 5
- Desafíos a la complejidad irreducible 5
- Redundancia 7
- Autoorganización y el origen de la complejidad biológica 7
- Autoorganización y el origen de la vida 9
- Algoritmos y comadrejas 10
- Avispas sociales y "acción inteligente" 10
- Representación con palabras como explicación 11
- Dios - de - los hiatos: ¿los hiatos han sido cubiertos? 11
- La duplicación de genes y la evolución de nuevos genes - una respuesta 12
- El DI y la mega-evolución 14
- El filtro explicativo - una herramienta lógica para identificar el DI 15
- El DI y las publicaciones 16
- DI y filosofía 16

CONCLUSIONES 17

REFERENCIAS 18

Resumen

El Diseño Inteligente (DI) presenta evidencias empíricas para apoyar su planteamiento de que el origen de la complejidad en los sistemas biológicos requiere de la intervención de una inteligencia exterior a estos sistemas. Muchos científicos rechazan al DI o cualquier otra explicación de los orígenes que no emplee exclusivamente principios naturalistas. Existe cierta cantidad de libros y artículos cuidadosamente escritos declarando que el DI ha fracasado en la presentación de su caso. Los defensores del DI han publicado respuestas a estos escritos. ¿Cuál de estas líneas de debate es más convincente, cuando se compara con el conocimiento que poseemos sobre los sistemas vivientes? Este trabajo evalúa una muestra representativa de las mejores publicaciones anti-DI y pro-DI, y presenta una conclusión basada en el estado actual de las evidencias y argumentos respecto a estas posiciones.

Los conceptos no materialistas sobre los orígenes han incluido generalmente la creencia de que el universo es resultado del diseño inteligente. Sin embargo, en las últimas dos décadas, el término "diseño inteligente" (DI) ha sido comúnmente empleado para acotar a un movimiento específico desarrollado por un grupo de científicos y filósofos muy preparados. El movimiento comenzó en la década de los 1980's (Thaxton et al. 1984; Denton 1985), pero atrajo por primera vez la atención del público con las publicaciones de Phillip Johnson, un profesor de leyes en la Universidad de California. El primero de estos escritos fue "Darwin on trial," en español "Darwin bajo juicio" (1991), seguido por otros libros (Johnson 1995, 1997, 2000).

El movimiento del DI no se limita a tratar sobre la edad de la Tierra, la geología del diluvio o la historia evolutiva, sino que se centra en cómo se originó la vida, y sobre el origen de la complejidad biológica. Los teóricos del Diseño ven razones para creer que la vida es resultado de un diseño inteligente, más que de un proceso materialista. En otras palabras, el DI no es una visión exhaustiva de los orígenes o de la relación entre la fe y la ciencia. No aborda preguntas acerca de lo sobrenatural u otras interrogantes religiosas. Tampoco se preocupa por la identidad del Diseñador. Los diferentes defensores del DI pueden expresar sus puntos de vista personales sobre tales asuntos, pero idealmente, el DI aborda solamente un punto: los argumentos empíricos solamente indican que la complejidad de la vida requiere de un diseño inteligente. Este es el único aspecto del DI que consideraremos. Esta visión ha sido desarrollada en libros escritos por líderes del movimiento (Behe 1996, 2007; Dembski 1998, 1999, 2002, 2004, 2006; Dembski & Kushiner 2001; Dembski & Wells 2008; Meyer et al. 2007). Un libro editado por Dembski y Ruse (2004), contiene capítulos sobre y contra el DI.

En años recientes la controversia sobre el diseño inteligente se ha estado animando, y se ha incrementado el número de publicaciones de ambas partes en debate. Un estímulo importante para toda esta actividad reciente ha sido la controversia política sobre qué se enseñará en las clases de ciencia de las escuelas públicas (Pennock, 2003). No abundaré más sobre los temas políticos de educación de la ciencia en las escuelas públicas, sino que me limitaré a los aspectos filosóficos y científicos que se esconden detrás de la elección entre el origen naturalista y el diseño inteligente.

Filosofía de la ciencia

El método científico moderno emplea el enfoque filosófico llamado 'naturalismo metodológico' (Scout 2004). El naturalismo metodológico (NM) no hace ninguna declaración sobre si Dios existe o de si hay un reino de lo sobrenatural. El naturalismo metodológico es solamente una regla práctica, la regla más importante en la definición contemporánea de lo que es ciencia. Tal regla plantea que la ciencia nunca mencionará a lo sobrenatural en sus explicaciones, pero intentará ver cuán lejos puede explicar los fenómenos del universo por causas estrictamente físicas y materiales (Scout 2004). En la mayor parte de la ciencia esta regla funciona bien, y el "juego" de ciencia definido por esta regla ha dado como resultado un progreso científico sin precedentes. Ni siquiera el DI está en conflicto con el NM la mayor parte del tiempo. Un exquisito conjunto de "leyes de la naturaleza" gobiernan al universo, y estas confiables e inmutables leyes nos permiten descubrir mucho sobre cómo funcionan el universo y la vida, y cómo la vida cambia y se adapta a condiciones cambiantes. El DI no trata de determinar si estas leyes tienen un origen sobrenatural.

Un punto de vista relacionado al NM es el naturalismo filosófico (o metafísica), con la idea de que no existe un dios ni fuerzas sobrenaturales, y que el universo completo es resultado de causas materiales, las leyes de la física y de la química.

El debate comienza cuando nos involucramos en el origen de la vida y del universo. Algunos sugieren dividir la ciencia en ciencia en operación y en ciencia de los orígenes (Thaxton et al. 1984). La ciencia en operación es el estudio del funcionamiento del universo físico y biológico, el estudio de los procesos que ocurren con regularidad. La ciencia de los orígenes (incluyendo al DI) es el estudio de eventos únicos, singulares, principalmente el origen del universo y de las formas de vida iniciales. En este esquema la ciencia en operación emplearía el concepto del NM, en tanto que la ciencia de los orígenes pudiera incluir el planteamiento y la evaluación de explicaciones probables basadas en el diseño inteligente.

Los principales sectores de la ciencia no aceptan al DI como ciencia, sino que esperan que toda la ciencia esté sujeta a la regla del NM. Cuando los defensores del DI objetan a la exclusión arbitraria del diseño por la filosofía del naturalismo, una respuesta común es que la ciencia emplea el NM, y no el naturalismo filosófico, y que el NM no hace ningún planteamiento sobre la existencia o inexistencia de algún diseñador (Pennock 2004). El NM permite la existencia de Dios, pero no utiliza ese concepto en sus explicaciones de la naturaleza. Idealmente esto sería correcto, pero en la práctica las fronteras entre ambos tipos de naturalismo se hacen indefinidas, porque los científicos que emplean cualquiera de los dos tipos de naturalismo no permiten que la consideración de ningún diseño inteligente (sobrenatural o de cualquier otro tipo) influya sobre el pensamiento científico, ni siquiera cuando se trata de los orígenes. El NM puede parecer neutral y de mente abierta, ya que, en teoría, no hace ningún planteamiento sobre la existencia de Dios o sobre otras posibles fuentes de diseño. Sin embargo, muchos científicos que emplean este enfoque son, de hecho, firmemente opuestos a la consideración de ninguna forma de diseño inteligente. El resultado final, en la práctica, es que el NM y el naturalismo filosófico tienen en esencia el mismo efecto sobre la discusión de los orígenes. Desechan cualquier referencia al diseño, sin considerar las evidencias.

Valoración de los argumentos

El profesor de filosofía Del Ratzsch (2001) ha escrito un libro evaluando la legitimidad del diseño inteligente, desde la perspectiva de la filosofía de las ciencias. Concluye que no existen bases razonables para excluir al diseño inteligente de ser explorado dentro del contexto científico.

Sin embargo, la comunidad científica ha declarado abiertamente su posición crítica frente al diseño inteligente (DI). Una conclusión científica general es que el mecanismo neo-darviniano de la casualidad (mutaciones aleatorias) y la necesidad (la selección natural como preservadora de las variaciones biológicas que favorecen la supervivencia) son suficientes para explicar el mundo biológico, y de esta manera el diseño "como principio fundamental desaparece" (Young y Edis 2004). Pero si la casualidad y la necesidad pueden explicar el origen y la diversidad de la vida, es una gran interrogante – la PREGUNTA en cuestión aquí. Regresaremos con frecuencia a esta interrogante en nuestra discusión.

Edis (2004a) concluye que el DI no ha sido excluido de las ciencias sobre una base filosófica, sino que el DI no es tomado en serio porque no es científicamente exitoso, en tanto que la ciencia bajo el NM sí ha sido tremendamente exitosa, y que la casualidad y la necesidad son explicaciones adecuadas para la naturaleza. Sin embargo, yo sugiero que aunque el NM haya sido un enfoque muy exitoso en la mayoría de las áreas de la ciencia, el éxito del NM en explicar el origen de la vida y el origen de las nuevas estructuras biológicas significativas no ha podido ser demostrado.

Parece ser también que en muchos casos, el DI es excluido o se le hace oposición en el terreno filosófico.

Evaluaremos un grupo de los argumentos de ambas partes en este asunto, e intentaremos llegar a una conclusión sobre los méritos científicos relativos del DI y de la investigación sobre los orígenes bajo el NM, como se asume comúnmente. Examinaremos los argumentos y las tácticas actuales que se están empleando contra el DI, y las respuestas de aquellos que dudan de lo idóneo del naturalismo. ¿Cuán convincentes son estos argumentos, y cuán sólidas las respuestas a estos argumentos? Este trabajo no es una revisión exhaustiva de la literatura, pero muestrea un grupo de lo que considero son los libros y artículos recientes de la mejor calidad, para comunicarnos una visión integral sobre la controversia.

Mi objetivo es ser honesto con todas las partes, y reconocer los argumentos fuertes y débiles, no importa quien los emplee, o si coincido con las conclusiones del autor en cuestión. No necesitamos temer de los datos o ser demasiado cautos. Podemos luchar en nuestros intentos por comprender y responder a algunas interpretaciones de las evidencias, pero al final la verdad se sostendrá por sí misma.

Información biológica

Generalmente se asume que, como la casualidad y la necesidad son suficientes para algunos tipos de organización en la naturaleza (por ejemplo, para los copos de nieve, los cristales y los huracanes), también son suficientes para los orígenes biológicos. Pero los argumentos en contra del DI tendrán que enfrentarse con el origen de la información biológica, y ver si la casualidad y la necesidad son suficientes para el trabajo.

Una proteína, como por ejemplo una molécula de hemoglobina, consiste en una secuencia de aminoácidos enlazados en una cadena. Una proteína no es una repetición de una secuencia simple, como ocurre en un cristal (por ejemplo, ALV ALV ALV ALV ALV), sino que es compleja y no repetitiva. También es específica, lo que significa que para que la molécula sea funcional, los aminoácidos, al menos en algunas partes de la molécula, deben aparecer en una secuencia específica. Esta secuencia compleja y específica de aminoácidos contiene información, como la secuencia de las letras en esta página.

William Dembski llama a esto "complejo de información especificada" (CIE) (Dembski 1999), y plantea que las proteínas y la información en los libros (CIE) son demasiado complejas para aparecer por azar, sin una intervención inteligente. El mismo concepto se aplica a la secuencia de nucleótidos en los ácidos nucleicos (el ARN y el ADN). El origen de esta información biológica (CIE) en las proteínas y en los ácidos nucleicos es el más importante desafío para todas las teorías naturalistas sobre los orígenes biológicos.

Los procesos propuestos para la evolución natural de la nueva información biológica y los nuevos genes comienzan con la duplicación mutante de genes (una duplicación con errores, N. del T.), produciendo material genético excedente que puede entonces ser modificado por más mutaciones, y convertirse eventualmente en nuevos genes que codifican nuevas proteínas (Fig. 1). Gran parte del material genético en los organismos consiste de "ADN silente" (incluyendo los pseudo genes [Gibson 1994]) sin función conocida.

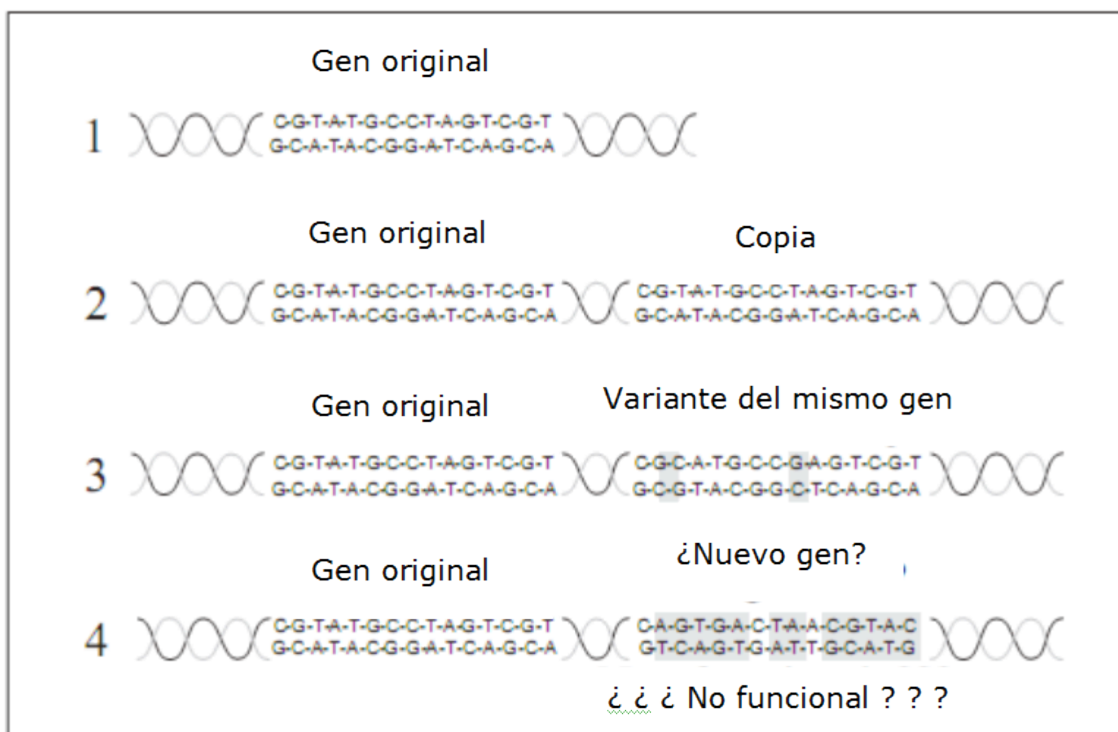


Figura 1. La teoría de la evolución genética a través de la duplicación de genes.

Este ADN silente, no codificador, se interpreta generalmente como que es ADN chatarra o basura, e incluye a los genes duplicados no funcionales que pueden evolucionar a nuevos genes. Luego de revisar los argumentos en pro y en contra del DI, consideraremos si esta teoría sobre la duplicación de genes y la evolución es una explicación adecuada para el origen de información biológica nueva.

Complejidad irreducible

Michael Behe (1996) sostiene que la complejidad irreducible es una sólida evidencia en pro del diseño inteligente. Un sistema (generalmente una "máquina molecular" o un sistema fisiológico) es irreduciblemente complejo si contiene al menos tres o más partes que son críticas para su funcionamiento, y que no puede trabajar a menos que todas las partes críticas estén presentes en el mismo momento. Un sistema que en verdad sea irreduciblemente complejo no puede aparecer como resultado de la evolución, porque la evolución solo puede producir un sistema complejo añadiendo a la complejidad de partida un paso pequeño cada vez. Mientras tanto, el sistema debe permanecer funcional durante todo el proceso, de lo contrario la selección natural lo eliminaría. Behe sostiene que algunos sistemas biológicos son irreduciblemente complejos, y que no pueden evolucionar porque todas las partes críticas tendrían que aparecer (evolucionar) al mismo tiempo (Behe 1996).

Behe emplea una ratonera (trampa para cazar ratones) como analogía, un ejemplo de un mecanismo que no funcionaría si falta una parte, y por ende no podría evolucionar, aún si estuviera viva. Algunos han respondido presentando maneras de modificar la ratonera de forma que tenga menos partes y que aún funcione, al menos teóricamente (Young 2004), y que podría evolucionar a una ratonera más compleja. Realmente no sé de nadie que haya tratado de atrapar ratones con una de esas ratoneras modificadas.

Behe (2004) analiza estas sugerencias de que una ratonera no es irreduciblemente compleja. El problema es que las ratoneras "más simples" deben estar inteligentemente ajustadas antes de que puedan llegar a ser parte de una trampa más compleja.

En algunos pasos las partes adicionales (como por ejemplo, las grapas o clavos) pueden ser añadidas de manera precisa antes de que se puedan combinar dos trampas sencillas. Parecen haber demasiados requerimientos de acción inteligente o de casualidad para que esto pueda llegar a ser un ejemplo viable del proceso darviniano.

Behe presenta al flagelo bacteriano como ejemplo de un sistema irreduciblemente complejo. El flagelo es una estructura como una cola, delgada, con un motor que, visto bajo el microscopio electrónico, se asemeja increíblemente a un motor eléctrico.

El flagelo es puesto a girar por el motor, y actúa como una hélice para mover a la bacteria. Un sistema sensorial detecta el entorno químico alrededor de la bacteria, y estimula al flagelo a rotar en un sentido para avanzar, o en el sentido opuesto para retroceder. Muchas moléculas de proteína, de estructura específica, conforman el flagelo y su motor. Al menos cierta cantidad de estas proteínas tienen que estar presentes, simultáneamente, para que el flagelo pueda funcionar. Si es así, ¿cómo este sistema pudo evolucionar paso a paso? Este mismo argumento ha sido aplicado, por los defensores del DI, al ojo, al sistema de coagulación sanguínea, y a otros sistemas bioquímicos.

Desafíos a la complejidad irreducible

Algunos autores han desafiado la interpretación de Behe sobre el flagelo (por ejemplo, Miller 1999, 2004; Ussery 2004; Musgrave 2004). Para ello señalan que puede haber una gran variación en la secuencia de aminoácidos en las proteínas de los flagelos, y que la estructura de los flagelos varía en diferentes tipos de bacteria. Algunos flagelos son de estructura más simple que los descritos por Behe. Esto, según plantean, demuestra que el flagelo puede partir de algo simple, y evolucionar hacia la complejidad, paso a paso.

Los autores arriba mencionados también enfatizan las similitudes entre las partes de un flagelo y otros componentes bacterianos. Algunas bacterias emplean un estructura similar a un largo flagelo que no gira como una hélice, sino que de forma repetida se adhiere a una superficie y hala al organismo tras de sí. Los flagelos también son estructuralmente semejantes a órganos secretores huecos parecidos a flagelos, los que excretan soluciones de proteínas a través de su interior hueco, en algunos casos para atacar las paredes celulares de los organismos hospederos. Se plantea entonces que las partes individuales de un flagelo bacteriano evolucionaron para cumplir otras funciones, como en el ejemplo de la secreción, y que los flagelos complejos sobre los que escribía Behe evolucionaron ayudándose de partes ya existentes de otros sistemas, y combinándolas en nuevas formas para evolucionar un flagelo con una nueva función. Según esta hipótesis, el problema planteado por la complejidad irreducible es solucionado por la evolución indirecta de un flagelo. Indirecta porque las partes evolucionaron para otras funciones, y sólo entonces fueron combinados, paso a

paso, para producir el flagelo. Esta evolución de las partes para una función, seguido por el aprovechamiento de tales partes para una nueva función, ha sido llamada exaptación (Gould y Vrba 1982).

Esta misma lógica se emplea generalmente para explicar la evolución de otros sistemas biológicos. Muchas proteínas están compuestas de sub-unidades, o dominios, y cada dominio puede ser utilizado en varias proteínas. Esta observación ha sugerido la teoría de que pueden evolucionar varios dominios de proteínas, cada uno en respuesta a una fuerza selectiva, para una función en particular, y que estos dominios luego pueden combinarse en diferentes maneras para construir muchos tipos diferentes de proteínas.

De esta manera, la mutación y la selección natural pueden generar dominios relativamente simples, los que pueden combinarse para formar proteínas con niveles completamente nuevos de complejidad y funciones novedosas y diversas.

Se ha propuesto que de las maneras descritas más arriba, no debe ser difícil que evolucionen sistemas y organismos complejos, evolucionando componentes simples y combinándolos de nuevas maneras para construir nuevas estructuras complejas. Miller (2004) sostiene que la existencia de sistemas más simples consistentes de componentes del flagelo indica el colapso del concepto de Behe sobre la complejidad irreducible como un argumento a favor del diseño inteligente.

Esta propuesta puede parecer buena, pero esos dominios de proteína "simples" y - supuestas partes co-optativas no son no necesariamente tan simples. Y el origen de estos componentes "simples," que también tienen la capacidad de reorganizarse en tales sistemas complejos y funcionales, requiere una explicación.

La teoría de la co-opción de partes para nuevas funciones puede ser comparada con el uso de los bloques de construcción de Lego ®. Unas pocas piezas simples de Lego ® pueden ser organizadas para construir una gran variedad de estructuras complicadas. Esto es posible porque los bloques fueron diseñados cuidadosamente con ese objetivo en mente. Las proteínas son órdenes de magnitud más complejas que las estructuras de Lego ®. Si los dominios de proteína muestran el diseño que permite combinarlas en una gran variedad de proteínas con funciones diferentes, esta capacidad incrementa la complejidad del problema para la evolución, en vez de disminuirla. La selección natural no puede ver lo que se necesitará en el futuro, y no puede esperarse que se desarrollen dominios de proteína con el diseño necesario para que se combinen en muchas maneras nuevas para producir las proteínas necesarias para las nuevas y complejas funciones que surgirán en el transcurso de la evolución futura.

Behe (2004) señala que encontrar, por ejemplo, sub-unidades de un flagelo que sean funcionales sin ser parte del flagelo, más complicado, no rebate la validez de la complejidad irreducible. Muchas de estas sub-unidades probablemente posean un núcleo irreductiblemente complicado, y esto requiere de una explicación. Behe (2004) describe algunos desafíos adicionales para el origen de una estructura complicada como el flagelo, que van más allá de la estructura del flagelo mismo. Este tiene un intrincado sistema de control, y un proceso de ensamblaje elegante, y éstos podrían ser parte del todo irreductiblemente complejo.

También, si las partes de otros sistemas están disponibles para ser co-optadas y devenir combinadas en un flagelo, las piezas no pueden necesariamente ser sólo apiladas juntas - deben ser ajustados de manera que se adapten las unas a las otras. Estos factores multiplican el desafío de construir una estructura compleja sin un diseñador.

Un trabajo reciente en Science (Bridgham et al. 2006) reclama ejemplificar estudios que "Refutan sólidamente todas las partes de los planteamientos del diseño inteligente" (Adami 2006). La investigación empezó con una proteína que tenía la capacidad de interactuar enérgicamente con tres hormonas esteroides, y luego la modificó para semejarla a lo que según su interpretación debió haber sido la hormona ancestral. Esta modificación involucró dos cambios de aminoácidos en la proteína.

Tal proteína todavía interactuaba con los esteroides, pero más débilmente. Se argumentó entonces que habían reproducido la secuencia evolutiva que resultó en el complejo proteico. La respuesta inédita de Behe (en Internet) es que 1) el sistema estudiado por Bridgham et al. ni siquiera estaba cerca de ser un sistema irreductiblemente complejo, 2) el cambio simple en dos aminoácidos caía fácilmente dentro del rango de la variación compatible con el DI, 3) no se produjo nada nuevo, sino que solamente debilitaron la capacidad de la proteína para unirse a algunas moléculas, y 4) este había sido "el intento más pobre hasta ahora... para desvirtuar el problema que la complejidad irreducible representa para el Darwinismo." Todo este proceso

darviniano para generar complejidad necesita que un componente importante lo haga viable - un mecanismo, un proceso bioquímico capaz de hacer las transiciones necesarias de un nivel de complejidad a otro por causas puramente materiales. ¿Se conoce tal proceso? Esta pregunta es pertinente para los demás argumentos presentados abajo, y más tarde intentaremos responder a la pregunta.

Redundancia

Shanks y Joplin (1999) argumentan que hay tal redundancia en los sistemas bioquímicos, que niegan la complejidad irreducible. Por ejemplo, hablan de la química de la glucólisis, parte del proceso que produce la energía utilizable dentro de las células. Si el modelo de la ratonera de Behe fuese correcto, entonces el emplear algún procedimiento de laboratorio para inactivar una enzima de la vía metabólica de la glucólisis debe detener todo el sistema. Sin embargo eso no ocurre.

Hay redundancia en el sistema, así que si una enzima es eliminada otra enzima lleva a cabo la operación y el proceso sigue. Esta redundancia existe, dicen, debido a la duplicación de genes. Un gen que produce una enzima es duplicado por una mutación. Uno de los genes duplicados sigue su función acostumbrada, y el otro duplicado muta hasta que es co-optado para producir una nueva enzima con una función nueva. La nueva enzima puede no ser tan eficiente, pero la evolución presumiblemente puede mejorar tal eficiencia.

Esta redundancia significa que hay rutas múltiples para realizar una tarea bioquímica. Si una ruta falla, otra asume su función. Esto demuestra, según dicen, que la simple ilustración de la ratonera de Behe, para la complejidad irreducible, no es una descripción correcta de la realidad bioquímica en los organismos vivientes.

Behe (2000) responde que algunos sistemas bioquímicos son redundantes, pero algunos no lo son en lo absoluto. Describe, por ejemplo, algunas proteínas en el sistema de coagulación de la sangre que no son redundantes. Si faltan en el sistema, las consecuencias serían fatales. Hay algunos asuntos adicionales y pertinentes de los que Behe no habló.

Si hay tanta redundancia como Shanks y Joplin alegan, entonces los sistemas bioquímicos serían en realidad más complejos (y mucho más que necesitaría evolucionar), que si no fueran redundantes. La redundancia provee una red de protección en caso de que ocurran mutaciones dañinas en parte del sistema, pero si no hay un diseño inteligente, toda esa complejidad tuvo que evolucionar. Y si la vía bioquímica evolucionó, no es probable que fuera redundante desde el principio, sino que surgiera a través de un paso no redundante. Además, la aseveración de que las características nuevas se desarrollaron a través de la duplicación de genes involucra una suposición de la que hablaremos más adelante.

Algunos bioquímicos también señalan (Boskovic, comunicación personal) que la redundancia presumida en, por ejemplo, la coagulación de la sangre, no es realmente redundancia.

Las rutas metabólicas alternativas no son opcionales, sino que constituyen una red de reacciones que garantiza la respuesta correcta en varias circunstancias diferentes. Los ingenieros emplean la redundancia con regularidad como método de asegurar un diseño funcional.

La redundancia es totalmente compatible con el diseño biológico, y en realidad presenta otro nivel de complejidad que quizás incrementa el desafío para una teoría naturalista de los orígenes.

Shanks y Joplin (1999) parecen estar en lo cierto al decir que la analogía de la ratonera no es adecuada para su comparación con los sistemas redundantes.

Esto, sin embargo, no invalida la analogía de la ratonera. Las analogías simples, en general, tienen límites en su aplicación. Quizás la cascada de coagulación de la sangre sea mejor representada por una serie de ratoneras. Si una trampa falla, el ratón tropezará con las próximas trampas.

Autoorganización y el origen de la complejidad biológica

Shanks y Karsai (2004) abordan el origen de la complejidad señalando que la complejidad y la organización existen a todas las escalas - en la forma de las galaxias, de los huracanes y de los copos de nieve, y en moléculas y organismos.

Plantean que esta compleja organización es explicada mejor por procesos de auto- organización, más que como el diseño inteligente de un ser sobrenatural. El mismo argumento también es presentado en Shanks y Joplin (1999).

Describen cómo, si están presentes los componentes necesarios (átomos, moléculas, organismos, etcétera), y hay intercambio de energía con el entorno, la autoorganización puede tener lugar. Un ejemplo de ello es la interacción de las moléculas de aire y agua, y calor, en el contexto correcto, para organizarse en los complejos patrones espirales de un huracán.

¿Estos argumentos demuestran la superioridad del NM sobre el DI, como explicaciones del origen de los sistemas biológicos y de los organismos, como sostienen los escritores opuestos al DI?

En realidad hay al menos dos clases de fenómenos utilizados en las explicaciones de los orígenes. La primera clase incluye los copos de nieve, y la forma de los huracanes y las galaxias. Éstos son fenómenos puramente físicos, gobernados por las leyes de la física. Cuando el agua se congela bajo las condiciones correctas toma las formas intrincadas y ordenadas que presentan los copos de nieve. Un copo de nieve tiene una forma intrincada, presenta contingencia (puede aparecer en algunas formas diferentes), y alguien sin conocimientos de química y física podría pensar, de la simetría y la forma de un copo de nieve, como un tipo de especificación que requiera del diseño inteligente. Sin embargo, la ciencia conoce mucho de química y física, y es evidente que hay razones físicas para las características de diseño comunes a todos los copos de nieve (Edis 2004b).

De acuerdo con Dembski, la naturaleza de la complejidad en las cosas vivientes es única, “captando la noción de que hay algo en la vida que es diferente de la complejidad de un copo de nieve.” Pero Edis (2004b) no acepta la lógica de Dembski, de que hay problemas fundamentales con la comparación entre los copos de nieve y el diseño biológico. Sobre este particular Dembski tiene razón, y Edis están dejando escapar algo importante. Las cosas vivientes requieren información biológica (las secuencias en proteínas y ADN) para su existencia y su diseño, mientras que los copos de nieve no tienen (ni requieren) tal información. La forma de un copo de nieve está condicionada evidentemente por la casualidad y la necesidad - la necesidad en forma de leyes básicas de la física controlando el proceso de cristalización en el agua en congelación, y la casualidad que permite que un copo de nieve específico varíe al azar. Dentro de la necesidad de las leyes físicas que gobiernan la forma hexagonal general de los copos de nieve, no hay ningún límite o función para los detalles intrincados de los patrones cristalinos, pueden variar aleatoriamente, sin especificidad.

Cuando una ladera es erosionada por la escorrentía del agua de lluvia, la circulación del agua y la erosión ocurren dentro de ciertos límites determinados por la gravedad. Dentro de esos límites hay detalles que pueden variar en un patrón aleatorio. Esto es comparable a la forma de un copo de nieve - donde no hay información compleja y especificada involucrada. Son realmente la casualidad y la necesidad; y no importa cuáles sean los patrones exactos. Lo mismo parece aplicable a la forma de los huracanes y las galaxias. La naturaleza de la información biológica, la otra clase de fenómenos pertinentes para los asuntos de los orígenes, es fundamentalmente diferente de las fuerzas que controlan la formación de un copo de nieve.

En contraste con un copo de nieve, la secuencia de los aminoácidos o de los nucleótidos (es decir, la información biológica) es la información compleja especificada; y sí importa cuál es la secuencia. ¿Cuál es el origen de esta información compleja especificada? ¿Son la casualidad y la necesidad adecuadas para producir la información biológica que existe en los sistemas vivientes, o se requiere del DI? Hasta ahora en esta discusión no hemos llegado a una respuesta para esa pregunta, pero llegaremos. El argumento de Edis sobre los copos de nieve, los huracanes, etcétera, pierde completamente el punto porque no reconoce la complejidad y la especificidad únicas de los sistemas biológicos.

Otro ejemplo de autoorganización es la reacción química de Belousov-Zhabotinski (BZ). En esta reacción varios compuestos químicos (un substrato orgánico, un ácido, iones de bromato, e iones de un metal de transición) son colocados en un vaso de precipitados, y el sistema se auto-organiza para llevar a cabo un ciclo repetitivo de reacciones, con una secuencia de cambios de color asociados que se repiten en cada ciclo. Se ha argumentado que la reacción de BZ involucra la complejidad irreducible ordenada, sin la necesidad de algún diseñador inteligente. Este razonamiento se ha extendido entonces para sugerir que estas reacciones ilustran cómo pudo aparecer la vida por medio de la autoorganización (Shanks y Joplin 1999; Shanks y Karsai 2004).

Pero parece haber algunos problemas con esta conclusión. ¿Las reacciones de BZ son realmente ilustraciones de complejidad irreducible sin ninguna “ayuda de diseñadores inteligentes”? ¿Qué hay de los químicos que

comprenden los principios de las reacciones químicas y usan estos conocimientos para poner los reactivos adecuados en un vaso de precipitados? No conozco de ningún caso natural de las reacciones de BZ, sin la intervención inteligente de los químicos, pero incluso si ocurrieran, aún queda otro problema. De la misma manera que la forma de los copos de nieve, estas reacciones son controladas por leyes naturales básicas y no involucran nada comparable a la información biológica, cuyo origen tendría que ser explicado por algo diferente a las leyes de la física y la química. Otro punto es que las reacciones de BZ no requieren reactivos químicos muy específicos, mientras exista una molécula orgánica que pueda ser oxidada, la categoría correcta de iones de metal, etcétera. (Behe 2000). Las reacciones de BZ tampoco producen nada perdurable, como sí lo hace la información biológica.

Behe (2000) sugiere que aunque los reactivos necesitados en una reacción de BZ no son lo suficientemente específicos como para calificarlos de complejidad irreducible, como se ejemplifica en los sistemas biológicos, las reacciones de BZ son comparables a las propiedades de autoorganización, por ejemplo, de un tornado.

Behe presenta la cascada de coagulación de la sangre como un mejor ejemplo de complejidad irreducible, porque al menos algunas de las proteínas involucradas requieren de una estructura muy específica para trabajar. Las propiedades simples de las reacciones de BZ no son comparables a la sofisticada maquinaria bioquímica de las células vivientes. También señala que, aunque los modelos matemáticos del comportamiento químico de las reacciones de BZ y de los sistemas biológicos puedan ser similares, la química subyacente es muy diferente - una no explica a la otra, y el sistema BZ no explica el origen de los sistemas biológicos.

Shanks y Joplin (2007) intentan sumar sus razones para rechazar los planteamientos de Behe, pero su respuesta depende del mismo tipo de lógica superficial que presentan sus artículos anteriores.

Autoorganización y el origen de la vida

Las reacciones de BZ pudieran ser consideradas un análogo apropiado para el origen de la información biológica si los componentes necesarios para la vida estuvieran mezclados en un vaso de precipitados y si un sistema viviente, o al menos las partes de un sistema viviente surgieran espontáneamente, como aparecen las reacciones cíclicas en un sistema de BZ.

Si los elementos apropiados son mezclados juntos en un aparato que simula la supuesta atmósfera de la tierra primitiva, se forman espontáneamente aminoácidos y otras moléculas biológicas. Esto demuestra que la formación de aminoácidos y nucleótidos puede ocurrir por un proceso de autoorganización, análogo al menos en parte a lo que ocurre en una reacción de BZ. Pero éstos son solamente los "ladrillos," deberán entonces ser organizados en la secuencia correcta para formar proteínas y ADN o ARN, las moléculas de la información biológica. No puede declararse la "autoorganización" de la vida hasta que los aminoácidos y los nucleótidos se organicen en las secuencias correctas para formar macromoléculas funcionales biológicamente (información biológica), y maquinarias bioquímicas para formar una célula. Hasta ahora esto no ha podido ser demostrado en ningún experimento.

Una respuesta probable para esta declaración es que no debemos esperar tal resultado en el poco tiempo que tenemos para trabajar en ello. Podría ser cierto, pero sigue siendo verdad que la hipótesis de que la vida apareció por un proceso naturalista puede ser aceptada solamente por fe.

Una persona que acepte el NM probablemente piense que es útil continuar la búsqueda científica del mecanismo naturalista del origen de la vida. Una que crea que el origen de la vida es imposible sin el diseño inteligente no debe condenar el estudio del origen de la vida como mala ciencia, pero probablemente piense que su esfuerzo científico será mejor empleado en un tema diferente, porque la investigación del origen de la vida, por razones bioquímicas, es un camino cerrado.

La selección natural no puede ayudar a ensamblar la información biológica funcional inicial, porque la selección natural no podía funcionar en lo absoluto hasta que hubiera un organismo vivo, capaz de reproducirse. Solamente cuando hay organismos vivientes puede haber variación en las características individuales y diferentes probabilidades de supervivencia y reproducción, y un sistema genético para preservar las características de aquellos favorecidos por la selección natural. Por consiguiente, antes de que las primeras cosas vivientes existieran el único mecanismo posible para armar un juego de proteínas y ácidos nucleicos funcionando parece ser la casualidad. Richard Dawkins, conferenciante sobre el origen de la vida

(1986, pág. 141), lo resumió bien: "¿Cuál es el evento único y más grande, de pura coincidencia, pura suerte milagrosa, y que se nos permita escaparnos con nuestras teorías, y decir todavía que tenemos una explicación satisfactoria de la vida?" Eso puede parecer satisfactorio para algunos, pero ¿es digno de ser llamado ciencia?

Algoritmos y comadrejas

Mark Perakh (2004) cuestiona el uso que hace Dembski de ciertos algoritmos, en sus planteamientos de que la complejidad no puede ser obtenida sin inteligencia.

Éstos son análisis detallados, y pudiera ser instructivo ver la respuesta de Dembski a Perakh. No hay ninguna razón especial para pensar que los defensores o los adversarios del DI tienen todas las respuestas. No hay dudas de que hay una discusión en curso sobre los detalles.

Una de las críticas a Dembski por parte de Perakh está, sin embargo, evidentemente errada.

Perakh objeta la conclusión de Dembski de que un algoritmo utilizado por Richard Dawkins (1986) es falaz. Dawkins introduce una oración, METHINKS IT IS LIKE A WEASEL en una simulación de computadora, mezcla las letras, y luego deja que la simulación recree la oración a través de cambios aleatorios en la secuencia de las letras, y un proceso de selección para escoger entre la secuencia de letras anterior y la secuencia mutada. Por este proceso su simulación de la mutación y la selección natural llegó bastante rápidamente a la oración original. Dembski no acepta esto como una simulación legítima de la evolución. Perakh insiste vehementemente en que Dembski esté criticando solamente aspectos de menor importancia en la simulación de Dawkins, y que la simulación, sin lugar a dudas, es un buen ejemplo de la evolución ¿Es legítima la crítica de Perakh?

El problema con la simulación de Dawkins es que la computadora compara cada secuencia mutada de letras con la "meta", que es la oración inicial METHINKS IT IS LIKE A WEASEL. Si la secuencia mutada está más cerca del blanco, el ordenador escoge la nueva secuencia de letras. El problema aquí es que el verdadero proceso de la evolución biológica no sabe cuál es la “meta;” la evolución no sabe cuáles características serán necesarias en el futuro.

La selección natural solamente puede elegir entre una característica existente y una alternativa mutada sobre la base de su valor selectivo en ese momento del tiempo. Solamente puede determinar qué color en las polillas será el mejor camuflaje hoy. No puede mirar en el futuro para ver hacia dónde deberá apuntar el proceso evolutivo – que apariencia necesitarán tener las polillas dentro de algunos años. La falta de previsión de la evolución no es una idea elaborada por los defensores del DI, sino que es un concepto fundamental en la teoría de la evolución. La simulación de Dawkins no modela la evolución darviniana, sino que solamente ilustra un punto: muestra que las mutaciones y la selección natural pueden funcionar eficazmente si hay una orientación inteligente del proceso. No ilustra nada fuera de esto. Dembski no estaba criticando un problema menor; la simulación de Dawkins contiene una falla muy importante. Es asombroso que, en primer lugar, Dawkins publicara esta simulación, y que los científicos entendidos todavía hagan referencia a ella de manera favorable.

Avispas sociales y "acción inteligente"

Las avispas sociales desarrollan nidos complejos compuestos de celdas hexagonales empaquetadas fuertemente unas con otras. Para que tal estructura se produzca parece requerirse de una capacidad cognitiva sofisticada. Pero la investigación ha demostrado que los nidos construidos por las avispas no son la revelación de un plan inteligente, y no existe ninguna avispa supervisora que maneje tal construcción. Más bien, cada avispa sigue unas pocas reglas simples, y aplica tales reglas en respuesta a las condiciones con las que tropieza a cada paso del proceso constructivo. Así, sin ningún plano mental o sin planificación supervisada, tal estructura compleja aparece como un subproducto de la aplicación de reglas simples. No hay requerimiento de un “diseño inteligente desde afuera del sistema,” y las “estructuras complejas y ordenadas emergen como la consecuencia de la operación de mecanismos naturales, ciegos y no inteligentes en respuesta” al ambiente local del nido en construcción (Shanks & Karsai 2004).

Su conclusión pasa por alto algunos conceptos importantes. Le tomó a un grupo de científicos mucha investigación inteligente elucidar tales reglas “simples,” las que no son tan simples después de todo, y los resultados de estas reglas son indirectos.

El resultado constructivo del movimiento individual de una avispa deviene evidente solamente cuando cabe en el contexto general de muchos movimientos adicionales realizados por muchas avispas, siguiendo todas las mismas reglas. Si las avispas evolucionaron, esas reglas sofisticadas e indirectas tuvieron que ser determinadas y programadas en los cerebros de las avispas de algún modo. ¿Son las mutaciones aleatorias y la selección natural aptas para esta tarea? ¿O pudieran tales reglas indirectas existir solamente si fueron puestas allí intencionadamente? No podemos demostrar que este sistema no puede surgir a través de la evolución, pero estos escritores solamente están ejercitando la fe dentro de su marco filosófico elegido.

Su afirmación de que no se necesita un "diseño inteligente exterior al sistema" para proporcionarle a las avispas las reglas de construcción de nidos necesarias es solamente una declaración de su fe, sin evidencias que la sustenten. Esto es una ilustración más de cómo los planteamientos en contra del DI generalmente pierden por completo el punto.

Representación verbal como explicación

Las fotografías o representaciones verbales, de cómo puede evolucionar una estructura compleja, a menudo parecen muy convincentes. ¿Pero la realidad es tan simple como estas representaciones la hacen parecer? ¿Existen buenas razones para creer que la evolución del ojo, o el vuelo de las aves, o un flagelo, son convincentemente demostradas por estas representaciones verbales de los pasos evolutivos, exaptaciones, y recombinaciones de los dominios de proteína propuestos? A menudo está implícito el que los escenarios evolutivos presentados (las representaciones verbales) son adecuados para eliminar la necesidad del DI (por ejemplo, ver Young y Edis 2004).

Pero tales descripciones teóricas de cómo un grupo de pasos evolutivos puede desarrollar estructuras nuevas dependen de la suposición de que este proceso realmente ocurre, u ocurrió. Las representaciones verbales, o historias "asumamos-así que," como son llamadas a veces, hacen que la evolución de lo novedoso suene fácil, pero no se enfrentan con el problema bioquímico fundamental de cómo surge la nueva información biológica. Young (2004) describe el uso de un algoritmo genético para demostrar cómo puede evolucionar todo tipo de ojos, y luego dice que la existencia de una variedad de ojos provee evidencias sólidas que respaldan su planteamiento.

Él plantea que "si el algoritmo genético puede generar complejidad, entonces también puede hacerlo la evolución a través de la selección natural." Incluso si tal algoritmo modela algunos aspectos de la evolución, no demuestra que las mutaciones correctas aparecerán, de hecho, cuando se las necesita, suministrando la materia prima para que la selección natural invente, con éxito, el próximo tipo de ojo, más complejo. Tampoco es nada probable que cada paso intermedio entre un tipo de ojo (o cualquier otra estructura) y otro nuevo, tenga un valor mayor para la supervivencia, y que sea así seleccionado, y no rechazado, por la selección natural.

Aún después regresaremos a este asunto crucial, pero hay algunos otros artículos que comentar primero.

Dios - de - los hiatos: ¿los hiatos han sido cubiertos?

La afirmación del DI de que algunos órganos o sistemas bioquímicos son demasiado complejos para evolucionar es generalmente llamado "el argumento de un-dios-de–las-brechas;" debido a que no podemos imaginar cómo pudieron evolucionar (el hiato en nuestros conocimientos), deben requerir un diseñador. Se ha afirmado que conocemos tanto sobre cómo evolucionaron las características complejas, que hacemos innecesario al DI (el hiato ha sido cubierto). Un caso clásico es el ojo. El ojo de los vertebrados es asombroso en su complejidad, pero ¿es irreductiblemente complejo? Young (2004) dice que no. En el reino animal hay una gran variedad de ojos, incluyendo simples manchas sensibles a la luz, y varios ojos simples que aportan diferente niveles de capacidad visual. Young, y autores a quienes menciona, afirman que estos ojos pueden ser organizados en una secuencia ilustrando convincentemente cómo evolucionaron, eliminando la necesidad de un diseñador para el origen de los ojos.

El origen del vuelo en las aves es otro ejemplo del mismo concepto (Gishlick 2004). Es difícil imaginar cómo podría evolucionar la capacidad de volar en las aves (¿cuán buena es media ala?). El contra-argumento dado aquí es una comparación de la estructura de las extremidades anteriores de los dinosaurios que se supone sean los antepasados de las aves. Estos dinosaurios depredadores bípedos pueden ser organizados en una secuencia que muestra cambios en las muñecas, los que permitieron cambios en el movimiento de las extremidades

anteriores en las maniobras para atrapar a sus presas, cambios que se ha propuesto fueron posteriormente exaptados para el propósito del vuelo. Añadieron a esto la aparente existencia de plumas en otros dinosaurios (presumiblemente con propósitos de protección) (Martin 2001, pág. 249; Norell et al. 2002), y afirmaron que ahora comprendemos el origen del vuelo, que se vio por primera vez en el ave fósil Archaeopteryx.

Sin embargo, hay una brecha inmensa, no representada por fósiles, entre los dinosaurios no voladores y el Archaeopteryx volador, y esta brecha incluye todos los pasos en la presumida evolución del vuelo desde los dinosaurios no voladores, pero quizás cubiertos de plumas. Este ejemplo, la evolución propuesta de los ojos, y muchos otros casos comparten un problema significativo, hacia el que nos dirigiremos ahora.

La duplicación de genes y la evolución de nuevos genes - una respuesta

Se asume que los genes nuevos surgen a través de la duplicación de genes, la que produce genes adicionales, y la evolución de nuevos genes que ocurre dentro de este “ADN chatarra.” Pero se está reconociendo ahora que una mayor proporción de lo que se creía del “ADN chatarra” (incluyendo los seudo-genes) es funcional (Reynaud et al. 1989; Nowak 1994; Ochert 1999; Hirotsune et al. 2003; Pearson 2004; Andolfatto 2005; Pollard et al. 2006; The ENCODE Project Consortium 2007), y se está sugiriendo que gran parte del ADN chatarra puede estar compuesta por genes reguladores (Check 2006). Un resumen sobre abundante literatura referente al ADN no codificador revela que el porcentaje del genoma que es no-codificador es directamente proporcional a la complejidad estructural del organismo, implicando que cumple una función en generar esa complejidad (Fig. 2) (Mattick 2004). Si esta tendencia continúa, podría encontrarse que, en la regulación, hay mucho más ADN involucrado de lo que hoy se reconoce.

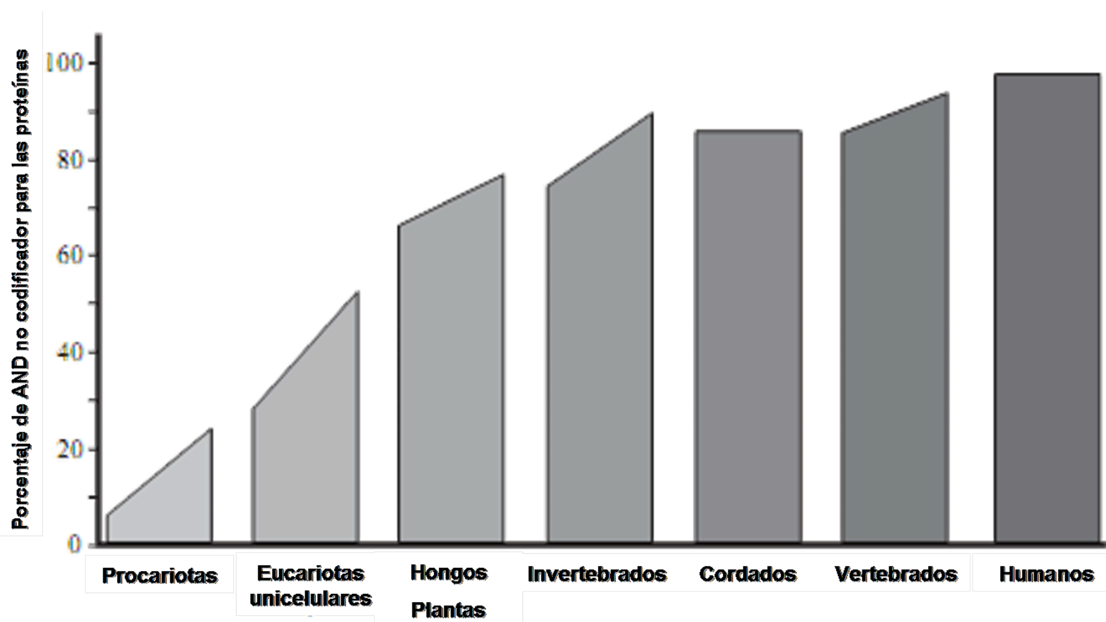


Figura 2. Relación entre la cantidad de "ADN chatarra" (ADN no codificador) y la complejidad estructural de los organismos (después de Mattick 2004).

Esto no demuestra que no existen copias adicionales de genes. Sin embargo, está claro que se necesita un vasto complejo de genes para regular cuándo y dónde puede sintetizarse cada proteína y en qué cantidades, el desarrollo embriológico de cada órgano diferente y su integración con los otros órganos, el funcionamiento de los tremendamente complejos sistemas bioquímicos en cada célula, y controlar cosas tales como cuán largos serán los dedos. Hasta que sepamos dónde están todos estos genes reguladores, es ingenuo hablar del ADN chatarra. Tampoco está claro si existe en realidad la multitud de genes duplicados necesarios para la mega-evolución (la presumida evolución de nuevos complejos de genes, nuevas estructuras, o los nuevos planes de cuerpo; ver Brand 1997, 2006).

Aún si esos genes duplicados existen, la pregunta crítica a la que he hecho referencia todavía debe ser respondida. En todas las teorías naturalistas cualquier nueva información genética puede entrar en el genoma solamente a través de mutaciones aleatorias.

La respuesta acostumbrada es que aunque las mutaciones son aleatorias, la selección natural no es un proceso aleatorio; este selecciona las características beneficiosas y rechaza las perjudiciales. Esto es cierto, pero la selección puede actuar solamente sobre la materia prima que la mutación le suministra, y la mutación es un proceso aleatorio en el sentido de que no conoce las necesidades del organismo, o cuáles serán esas necesidades en el futuro. Si va a incorporarse una información nueva en el genoma, las mutaciones que se necesitan deben 1) ocurrir por casualidad cuando son necesitadas, y 2) deben resultar en alguna ventaja selectiva para el organismo, a cada paso del camino, de lo contrario serán eliminadas por la selección o por mutaciones aleatorias posteriores. A menos que se cumplan estas dos condiciones, la selección natural no tendrá el poder de hacer algo nuevo y útil. Éste no es un problema menor.

La Figura 3 ilustra esta posición. Si se duplica un gen que codifica una proteína con una función específica, y el duplicado es cambiado (mutado) hasta que produce una proteína nueva con una función diferente, nueva para el organismo, se necesitará de una serie de mutaciones para modificarlo hasta la forma nueva (por ahora haremos caso omiso del complejo de genes reguladores que se necesitan para que los nuevos genes sean funcionales). La secuencia en la Fig. 3A es exactamente como la analogía de la comadreja de Dawkins (la evolución exitosa de los nuevos genes si cada paso es favorecido por la selección natural, trabajando hacia una meta conocida). Pero la selección natural no funciona así. La Figura 3B se asemeja más a la realidad, con una secuencia de mutaciones realmente aleatorias, gobernadas por la casualidad. En este proceso las probabilidades de que las mutaciones necesarias sean las preservadas, están muy por debajo de las probabilidades de que las mutaciones provoquen que la secuencia de nucleótidos cambie al azar a través del tiempo y que no produzcan nada útil.

A	B
the first protein	the first protein
the fir t prottin	the fir t prottin
tho fir t prottin	phe fir t phottin
tho fin t mrottin	pre fir t phbttin
tho fin tumrottiw	pro fir t mhbttin
tro fin tumrettiw	pvo fir t mhbttiu
trotfin tumbettiw	pvojfit t mhbttiu
trotfin tumber iw	pvojfit tkmhbntiu
protfin tuyber iw	pvljfit tkmhbntin
protfin tuyber two	pvljfit tkmhbntwo
protfin number two	pvljfit tkmhbctfo
protein number two	pvljfit tdmhbctfp

Figura 3. Dos serie de mutaciones, empleando letras para simbolizar nucleótidos en el ADN, con una frase que posee significado (the first protein = la primera proteína) representando una proteína funcional. Hay dos mutaciones en cada paso, excepto una mutación en el último paso en (A). En (A) una serie de mutaciones convierte un gen en un nuevo gen que produce una nueva proteína con una función diferente (protein number two = proteína número dos). Casi todas las mutaciones constituyen una alteración positiva hacia el nuevo gen. El ejemplo (B) es una serie de mutaciones verdaderamente aleatorias. Algunas mutaciones son cambios constructivas hacia el nuevo gen, pero a menos que el nuevo gen sea en sí mismo funcional y seleccionado como tal, esos cambios constructivos estarán sujetos a nuevos cambios, alejándose nuevamente del "objetivo." La evolución de un nuevo gen y una nueva proteína involucraría muchas más mutaciones, pero el principio sería el mismo: el ejemplo (B) es una serie de eventos mucho más probable.

Si está involucrada la selección (como en la Fig. 3A), habrá un gran problema si la proteína debe pasar a través de una etapa en la que no es funcional, o donde su función se vea reducida (algo que es muy probable) antes de alcanzar la nueva función. El problema es que la selección no sabe nada sobre la futura nueva función, pero en cada paso del camino eliminará los genes formados que induzcan la reducción de su capacidad para realizar la función anterior (los pasos intermedios en la Fig. 3A). En este caso ni la secuencia 3A ni la 3B serán favorecidas; la preservación del gen original será favorecida sobre cualquier otro cambio. Estos problemas entrarán en juego en cada paso de cualquier evolución propuesta para los nuevos genes, nuevas proteínas y nuevas estructuras que no existían antes (así como en cada paso de la presumida evolución de diferentes clases de ojos).

Este es el desafío más grande que enfrenta la teoría naturalista de la mega-evolución, la pregunta crítica a la que he hecho referencia antes. No parecen haber pruebas convincentes que respalden la teoría de los genes duplicados que evolucionan en nuevos genes con una nueva función. La literatura evolucionista depende solamente de representaciones o fotografías verbales (historias "asumamos-así que,") que asumen que la nueva información necesitada aparecerá cuando se necesite.

El DI y la mega-evolución

Los desafíos lanzados por el DI no son sólo pertinentes para el origen de la vida, sino también para los argumentos del origen de nuevos organismos que presentan un nuevo planteamiento del cuerpo con nuevas estructuras, sistemas y genes. Los ejemplos de Behe sobre la complejidad irreducible incluyen los flagelos y el sistema de coagulación de la sangre. Éstos pudieran no estar presentes en las células vivientes iniciales, pero aparecen en organismos más complejos. Tal nivel de cambio es llamado mega-evolución.

A menudo se afirma que si ocurren cambios pequeños (micro-evolución), el mismo proceso causará, dándole el tiempo necesario, cambios más grandes en los planos del cuerpo. Pero evolucionar un nuevo plan de cuerpo es muy diferente a la micro-evolución y a la especialización. La micro-evolución involucra la variación en los alelos de genes existentes, pero no parece requerir nueva información biológica significativa en forma de nuevos complejos de genes estructurales y reguladores y sus proteínas resultantes. Por significativo estoy haciendo una diferencia entre producir variaciones de una proteína ya existente, por ejemplo la hemoglobina (micro-evolución), y la producción de un complejo de genes y proteínas completamente nuevos, como por ejemplo el complicado sistema necesario para el parto vivíparo en los mamíferos (mega-evolución).

La hipótesis de que los cambios pequeños observados en la micro-evolución pueden extrapolarse a la producción de los grandes cambios necesarios para la mega-evolución, es sólo una suposición. En la literatura evolucionista generalmente se asume que no hay ninguna diferencia entre los procesos de micro y mega-evolución; los pequeños cambios se sumarán naturalmente a los cambios evolutivos más grandes. Hay dos líneas principales de evidencias generalmente consideradas como demostración de que esto es más que una suposición. Uno de éstos es la homología, que es empleada para desarrollar hipótesis filogenéticas. Todos los mamíferos, los reptiles y los anfibios tienen esqueletos de miembros frontales con una escápula, húmero y cúbito, huesos del carpo, del metacarpo y falanges.

Estas semejanzas en el esqueleto son homologías. Las características homólogas son interpretadas como evidencias de que los organismos que los poseían evolucionaron a partir de un antepasado común.

El ave mesozoica Archaeopteryx tiene ciertos homologías en su estructura ósea con los dinosaurios, y esto se considerado como prueba de que evolucionaron a partir de antepasados comunes (Ostrom 1994; Gishlick 2004). El mismo concepto es aplicable a homologías en bioquímica, incluyendo genes homólogos. Pero por supuesto, si la vida fue diseñada con inteligencia, algunas características homólogas pueden ser resultado de un diseño común, realizado por un diseñador que diseña en una forma ordenada y sistemática, empleando un principio común dentro del diseño ingenieril: reutilizar componentes que realizan bien una función dada. En esta perspectiva de la biología, requeriría de un estudio cuidadoso el diferenciar entre las "homologías" que resultaron del diseño común, y las verdaderas homologías evolutivas que resultaron de descendientes con modificaciones dentro de grupos diseñados, creados por separado.

Futuyma (2005) también habla del origen de genes nuevos por la mezcla de exones, produciendo nuevas combinaciones de dominios de proteína. Pero este proceso puede ser parte del mecanismo creado originalmente para generar variación genética (Word 2002). Si la vida no fuera creada, habría límites definidos para cuánta novedad genética puede aparecer a través de este proceso, hasta los nuevos dominios evolucionados por la duplicación de genes y la mutación. Por lo tanto, esta mezcla de exones como fuente de los nuevos genes necesarios para la mega-evolución está sujeta a las mismas restricciones discutidas más arriba para la duplicación de genes.

La otra línea de evidencias, que los nuevos genes pueden evolucionar, viene de eventos modernos observados, como la evolución de la resistencia de los insectos a los pesticidas, la resistencia bacterial a los antibióticos, o la aparición de nuevas enzimas en cultivos bacteriales. Spetner (1998), en su libro Not by Chance (No por Casualidad), analiza los detalles moleculares en estos fenómenos. Descubrió que ninguna mutación puntual conocida en estos momentos había añadido alguna información genética nueva.

Por ejemplo, una bacteria que desarrolló resistencia frente a la estreptomicina lo hizo porque una mutación cambió la proteína del ribosoma donde se une la estreptomicina, haciendo menos específica a la proteína, lo que significa pérdida de información genética, y no ganancia de información. Esta pérdida de especificidad tiene efectos secundarios, haciendo menos eficiente al ribosoma. Por lo tanto, la resistencia frente a una droga mortal fue "comprada" al precio de un ribosoma menos eficaz. Este tipo de cambio menor no puede producir la nueva información genética necesaria para la mega-evolución. Otros ejemplos conocidos de mutaciones siguen el mismo principio.

Barry Hall (1982, 1988) estudió los cambios en una cepa de bacterias que algunos otros han interpretado como la evolución de una nueva enzima. Hall preparó una cepa de bacterias con una mutación que destruyó su capacidad de degradar la lactosa. Entonces ocurrieron dos mutaciones más y apareció una nueva enzima que le permitía a las bacterias utilizar la lactosa. Sin embargo, estas dos mutaciones aparecieron en muchos cultivos en unos pocos días, lo que indicaba que no se trataba de una enzima nueva, sino sólo de la activación de genes ya existentes y su enzima, cuando las condiciones eran las correctas (Spetner 1998; Behe 2001).

El análisis de Spetner respalda la conclusión de que no hay pruebas de que las mutaciones aleatorias puedan producir información genética realmente nueva. Si esto es cierto, entonces no hay ningún mecanismo genético conocido que produzca cambios mega-evolutivos. Quizás nuevas investigaciones modifiquen un poco esta conclusión, pero esto está por verse. También, para que la mega-evolución sea un proceso viable para generar la diversidad de la vida sobre la Tierra, se necesita más que una pequeña posibilidad de que evolucione información genética nueva. Necesita ser un proceso confiable para generar una entrada abundante de nueva información de manera regular. Hasta ahora las evidencias de esto no han aparecido en el horizonte. Tal es la pregunta crítica que ha surgido varias veces en este ensayo. Muchos de los argumentos que hemos examinado contra el DI fallan, a menos que se encuentren pruebas que apoyen la evolución de la información biológica.

Por supuesto, nada de esto refuta la teoría de la mega-evolución, porque puede afirmarse que no sabemos lo suficiente como para comprender cómo trabaja. No podemos negar ese planteamiento, dado que todos nosotros, sin importar nuestra visión sobre los orígenes, debemos ejercitar una fe considerable en nuestras creencias o teorías.

Alguien que favorezca al DI tiene muchas preguntas sin respuesta sobre el diseñador.

Y una opinión materialista requiere una fe sólida de que esta teoría algún día responderá lo desconocido respecto a cómo surgieron la información genética y la complejidad molecular. Personalmente, yo me atrevo a afirmar que en los próximos siglos, cuando sepamos mucho más sobre biología molecular, veremos a la teoría de la vida que surge sin un diseño inteligente como un área de gran candidez en el pensamiento científico del siglo XX.

Weber y Depew (2004) dicen que Darwin demostró que "la selección natural podía explicar el planteamiento empírico de un descendiente común para todos los seres vivientes." Este reclamo es verdaderamente prematuro.

El filtro explicativo - una herramienta lógica para identificar el DI

Dembski (1999, 2002) ha descrito un filtro explicativo para identificar el diseño, y distinguirlo entre las características que pueden resultar de la casualidad. Él afirma que la lógica empleada en su filtro es, en esencia, la misma que los arqueólogos o los científicos forenses pueden utilizar para determinar si algún rasgo específico es fruto de la inteligencia. El filtro involucra tres pasos lógicos:

1) contingencia: ¿este rasgo puede existir de otra manera diferente?

2) complejidad: ¿es el rasgo suficientemente complejo (según un patrón cuantitativamente riguroso) para requerir del diseño?

3) especificación: ¿se ajusta a algún patrón específico conocido (por ejemplo, si es una proteína, esta funciona)?

Gary Hurd (2004) compara el filtro explicativo con los procedimientos lógicos empleados en la arqueología y en la ciencia forense, y concluye que el filtro explicativo no se asemeja a lo que hacen un arqueólogo o un científico forense. Algunas de sus críticas ignoran el objetivo del filtro. Por ejemplo, probablemente el filtro no podría diferenciar si algunos eventos fueron suicidio, homicidio, o retribución divina, porque las tres explicaciones asumen que son el resultado de una acción inteligente. La mayoría de los ejemplos de Hurd son de este mismo tipo. Sin embargo, él parece tener un punto válido cuando afirma que ni los arqueólogos ni los científicos forenses usan el filtro de Dembski en su trabajo. Quizás el filtro sea descrito mejor como el tipo de lógica que puede subyacer bajo algunos de los procedimientos usados actualmente en arqueología y en los estudios forenses, pero el filtro como tal, ellos no lo utilizan.

El DI y las publicaciones

Los críticos a menudo afirman que los defensores del DI no publican en revistas con un comité científico editorial (revistas científicas revisadas), demostrando que sus ideas sobre el DI no son realmente ciencia.

Stephen Meyer sí publicó un artículo planteando las bases del DI en una publicación científica revisada, Proceedings of the Biological Society of Washington, en español Las Actas de la Sociedad Biológica de Washington (Meyer 2004), titulado "El origen de la información biológica y las categorías taxonómicas superiores" (The origin of biological information and the higher taxonomic categories). Su artículo planteó varias de las dificultades científicas que enfrenta la teoría de la evolución por la selección natural, y la explicación del origen de muchos phyla en la explosión del Cambriano. Meyer explica que como los agentes inteligentes son la única causa conocida para la complejidad especificada, según aparece en los sistemas biológicos, el diseño inteligente es la mejor explicación para el origen de la información biológica. La mayoría de los científicos continúan usando el NM para buscar las respuestas a estos desafíos, pero Meyer sugiere que las evidencias apuntan al diseño de las cosas vivientes.

La Sociedad Biológica de Washington fue severamente criticada por la comunidad científica por publicar este artículo (Giles 2004; Helgen 2004; Ligon & Lovern 2004; Terry 2004), y la sociedad publicó una declaración repudiando el trabajo de Meyer y su concepto del DI, y describiendo las irregularidades en el proceso editorial que permitieron que el trabajo fuera publicado. El artículo había sido revisado, pero se afirmó que el editor, un simpatizante del DI, no utilizó todos los otros procesos de control de calidad de la revista.

El artículo de Meyer era una presentación inteligente del tema, y la mayoría de las respuestas no lograron responder a los argumentos planteados en el trabajo.

Solamente argumentaron que no era legítimo que tal artículo (que no estaba de acuerdo con el NM) fuera publicado en una revista científica. Criticar a los defensores del DI por no publicar en tales revistas puede ser válido solamente si las revistas aceptan los artículos por los méritos de su contenido, y no porque los artículos estén basados en la aceptación del NM.

DI y filosofía

Ni los defensores ni los adversarios del DI han podido generar argumentos convincentes para la otra facción. Esto se debe, en parte, a la complejidad de los fenómenos bioquímicos sobre los que se está debatiendo.

Probablemente, ambas partes continuarán afinando sus argumentos. Pero hay una diferencia fundamental. El DI reconoce y se concentra en el verdadero tema (el origen de la información biológica), en tanto que sus críticos evaden este tema y basan sus señalamientos al DI en temas periféricos. Los críticos del DI dependen de la suposición de que la información biológica puede evolucionar cuando se necesite, y emplean representaciones verbales para apoyar sus argumentos. En realidad, el debate puede no ser resuelto nunca mientras exista incompatibilidad filosófica entre los dos grupos. Los conceptos del DI pueden no ser aceptados nunca, no importa cuán ciertos puedan ser, mientras exista el compromiso con el NM.

Se ha afirmado que el DI está estando rechazado como falto de rigor científico, no sólo debido a la filosofía, sino porque no ha sido exitoso en generar nueva investigación científica publicable. Esto es, hasta ahora, en gran parte cierto, por varias razones. Creo que hay muchas más promesas de tales investigaciones de las que se han realizado ya.

Sin embargo, el DI hace preguntas legítimas sobre la naturaleza de la búsqueda de la verdad. Debido a que el NM no es un planteamiento científico, sino una filosofía, rechazar el DI porque es una violación del NM es una elección filosófica o de culto, no una elección científica. Incluso si el DI no consigue iniciar muchas hipótesis verificables, los planteamientos del DI todavía pueden ser verdaderos. Para la ciencia tratar de apartar al DI de la mesa de debate podría ser tan improductivo como lo fue para la iglesia, en días de Galileo, tratar de evitar la discusión abierta de la teoría del universo heliocéntrico. Un objetivo intelectual válido para el DI es poner al naturalismo sobre el tapete para su discusión abierta, y ha hecho considerables progresos hacia ese objetivo, aunque se le han opuesto enérgicamente muchos científicos ilustres.

Un criterio para determinar el valor científico de una teoría es si esta puede hacer predicciones comprobables por evidencias empíricas. Hasta cierto punto será difícil que el DI haga predicciones específicas, por la misma razón es difícil pronosticar qué adaptación evolutiva resultará de algún cambio ambiental. Cuando investigamos lo desconocido, a menudo no sabremos por adelantado qué buscar. Sin embargo, el DI puede hacer algunas predicciones definidas. El DI predice que cuando comprendamos plenamente la vida, encontraremos sistemas sofisticados y completamente funcionales en todas partes. Por lo tanto, esas partes y sistemas que la ciencia naturalista describe como pobremente diseñadas, o "apiladas" por la evolución, serán sujetos de estudio especialmente productivos, porque el diseño completo de esos sistemas no ha sido descubierto todavía. Las expectativas del diseño animan al estudio detallado de tales sistemas, porque la recompensa a menudo será la realización de importantes descubrimientos de nuevos fenómenos.

A comienzos de los 1970's algunos biólogos moleculares identificados con el DI, amigos míos, estaban prediciendo que se descubriría que el llamado ADN chatarra era funcional.

Esa predicción está comenzando a verificarse. También, durante muchos años los biólogos evolucionistas han descrito la retina de los vertebrados como un accidente evolutivo mal diseñado, porque las capas de células están organizadas de atrás hacia adelante; la luz debe pasar a través de algunas capas de células antes de alcanzar los fotorreceptores. Un trabajo recientes (Franze et al. 2007) reporta una reevaluación de la retina. No sé si los autores favorecían al DI, pero su investigación es exactamente el tipo de investigación que el DI puede estimular. Fue descubierto que las células de Müller en la retina tenían propiedades únicas e inesperadas. Son en realidad fibras ópticas vivientes que conducen la luz a través de las capas de células exteriores hacia los fotorreceptores con una eficiencia muy alta.

En vez de ser un accidente evolutivo ineficiente, la retina es un diseño altamente eficiente y muy sofisticado.

Conclusiones

Shallit y Elsberry (2004) hacen una declaración asombrosa: “Dembski piensa que la inteligencia tiene un poder mágico que le permite hacer algo que sería imposible a través de causas naturales solamente.” Pero si la inteligencia no confiere ventaja, ¿por qué invertimos nuestros esfuerzos en la ciencia y la tecnología? ¿Por qué no hemos esperado que las causas naturales calienten nuestros hogares, curen las enfermedades, y nos provean de las comodidades que mejoran nuestras vidas?

Por supuesto, Shallit y Elsberry hacen referencia específicamente al proceso de los orígenes, pero mi respuesta permanece en pie. El poder inventivo de la inteligencia puede lograr inimaginablemente más que las causas naturales sin ayuda, y dado que la inteligencia tiene las cualidades que pueden explicar la complejidad de la vida, ¿por qué no permitir que sea considerada como una posible causa explicativa? Los autores a quienes he citado no han aportado pruebas para contradecir esa conclusión, tanto como estamos deseando considerar las teorías naturalistas del origen como hipótesis que necesitan ser probadas, en vez de la verdad por decreto.

El debate sobre los orígenes se torna constantemente más complicado, y no es probable que termine pronto. Defensores del DI como Behe y Dembski han presentado interesantes desafíos al naturalismo, pero sus detractores sugieren muchas razones detalladas de por qué los conceptos del DI, como la complejidad irreducible o la información específica compleja, no son problemas para el proceso evolutivo.

El bando del DI presenta entonces respuestas a estos argumentos, pero no parece que ningún bando pueda exponer argumentos convincentes para el otro bando. Están discutiendo sobre cosas complejas, e hipótesis de eventos supuestos del pasado que no pueden ser evaluadas directamente. ¡Es muy difícil encontrar argumentos "balas de plata" sobre estos asuntos! Pero ése no es el verdadero problema.

En última instancia, es una discusión filosófica. Para aquellos científicos que aceptan el NM como parte de la definición de ciencia, ningún argumento que apele a una causa inteligente para explicar la vida será satisfactorio, sin importar cuán exacto sea. Para ellos, aceptar la posibilidad de un diseño como explicación para cualquier evento o fenómeno significa tirar la toalla y detener la búsqueda científica de respuestas en ese tema.

Y en algunos casos eso puede ser correcto, porque si la vida no comenzó por un proceso naturalista, para la ciencia hay muy poco que estudiar sobre el origen de la vida. Pero saber que la vida comenzó por el diseño puede evitar mucha investigación sin sentido sobre la abiogénesis (el origen naturalista de la vida) y desviar ese esfuerzo científico hacia otra área más productiva.

Por otro lado, muchas personas están más interesadas en buscar la verdad sobre nuestro origen y destino que en escoger ideas simplemente porque generen nuevas hipótesis científicas. Y probablemente, para aquellos que rechazan el naturalismo, o están dispuestos al menos a considerar alguna forma de diseño, los argumentos biológicos más sofisticados en contra del DI no serán convincentes, por varias razones. Primero, la mayoría de los argumentos contra el DI están basados en la aceptación a priori del naturalismo, viciando los argumentos contra el DI. En segundo lugar, porque los argumentos más sustanciales en contra del DI son en realidad intentos de demostrar que se pueden proponer teorías plausibles sobre los orígenes sin un diseñador, en vez de ser evaluaciones imparciales de los orígenes según el DI versus según el naturalismo. Y en tercer lugar, muchos de los argumentos en contra del DI, sobre bases puramente empíricas, no son convincentes. Estos tienen poco impacto porque son solamente representaciones verbales sin fundamento.

Aquellos que aceptan al NM como parte de la definición de ciencia rechazarán los argumentos sobre el DI, porque tal idea ha sido descartada por definición como parte de la ciencia, por el NM.

Probablemente no sea posible refutar científicamente ni la hipótesis de que las primeras formas de vida fueron inventadas y agrupadas por un diseñador, o que ocurrió la generación espontánea de la vida. También parece que la ciencia no ha producido pruebas convincentes a favor de los aspectos más crítico sobre el origen por procesos naturalistas (el origen de la información biológica sin participación inteligente). Se ha argumentado que las teorías del origen por diseño están inmunizadas contra la des-confirmación. Eso puede ser verdad, pero para muchos científicos el concepto de naturalismo es también inmune, por elección, contra la des-confirmación, y demasiada dependencia del naturalismo, más el largo tiempo para resolver cualquier problema teórico puede arrastrar a un razonamiento descuidado. Un grupo de los argumentos opuestos al DI citados en este trabajo es prueba de ello.

La causa de toda controversia acalorada, el espinoso asunto de que debe ser enseñado en las escuelas públicas, es muy dependiente de qué definición de ciencia es aceptada, y actualmente el NM es el centro de esa definición.

Algunos de nosotros deseamos principalmente en primer lugar que la ciencia sea una búsqueda de la verdad con mente abierta, y no un juego definido por la postura filosófica de alguien sobre la inteligencia o el materialismo. Los científicos como individuos pueden preferir una u otra filosofía, pero si los científicos con opiniones diferentes pudieran hablar entre sí, con respeto y no con aires de superioridad, y si pudieran trabajar juntos, podríamos hacer grandes progresos en nuestros conocimientos tanto de asuntos científicos como de perspectivas religiosas.

Referencias

Adami C. 2006. Reducible complexity. Science 311:61-63.
Andolfatto P. 2005. Adaptive evolution of non-coding DNA in Drosophila. Nature 437:1149- 1152 (see also comment on p xi).
Behe MJ. 1996. Darwin's Black Box: The Bioquímico Challenge to Evolution. NY: The Free Press.
Behe MJ. 2000. Self-organization and irreducibly complex systems: a reply to Shanks and Joplin. Philosophy of Science 67:155-162.
Behe MJ. 2001. A response to reviews of Darwin's Black Box: the bioquímico challenge to evolution. Biology and Philosophy 16:685-709.
Behe MJ. 2004. Irreducible complexity: obstacle to Darwinian evolution. In: Dembski WA, Ruse M, editors. Debating Darwin: From Darwin to DNA, p 352-370. Cambridge: Cambridge University Press.

Behe MJ. 2007. The Edge of Evolution. NY: Free Press.
Brand LR. 1997. Faith, Reason, and Earth History: A Paradigm of Earth and Biological Origins by Intelligent Design. Berrien Springs, MI: Andrews University Press.
Brand LR. 2006. Beginnings: Are science and Scripture partners in the search for origins? Nampa, ID: Pacific Press Publishing Association.
Bridgham JT, Carroll SM, Thornton JW. 2006. Evolution of hormone-receptor complexity by molecular exploitation. Science 312:97-101.
Check E. 2006. It's the junk that makes us human. Nature 444:130-131.
Dawkins R. 1986. The Blind Watchmaker. NY: W.W. Norton & Compan.
yDembski WA. 1998. Mere Creation: Science, Faith and Intelligent Design. Downers Grove, IL: InterVarsity Press.
Dembski WA. 1999. Intelligent Design: The Bridge Between Science and Theology. Downers Grove, IL: InterVarsity Press.
Dembski WA. 2002. No Free Lunch: Why Specified Complexity Cannot be Purchased Without Intelligence. NY: Rowman and Littlefield Publishers.
Dembski WA. 2004. The Design Revolution: Answering the Toughest Questions about Intelligent Design. Downers Grove, IL: InterVarsity Press.
Dembski WA, editor. 2006. Darwin's Nemesis: Phillip Johnson and the Intelligent Design Movement. Downers Grove, IL: InterVarsity Press.
Dembski WA, Kushiner JM, editors. 2001. Signs of Intelligence: Understanding Intelligent Design. Grand Rapids, MI: Brazos Press.
Dembski WA, Ruse M. 2004. Debating Design: From Darwin to DNA. Cambridge: Cambridge University Press.
Dembski WA, Wells J. 2008. The Design of Life. Dallas, TX: The Foundation for Thought and Ethics.
Denton M. 1985. Evolution: A Theory in Crisis. Bethesda, MD: Adler and Adler.
Edis T. 2004a. Grand themes, narrow constituency. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails, p 9-19. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Edis T. 2004b. Chance and necessity — and intelligent design? In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism, p 139-152. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Franze K, and 9 others. Müller cells are living optical fibers in the vertebrate retina. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA) 104:8287-8292.
Futuyma DJ. 2005. Evolution. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc.
Gibson LJ. 1994. Pseudogenes and origins. Origins 21:91-108. (grisda.org) Giles J. 2004. Peer-reviewed paper defends theory of intelligent design. Nature 431:114.
Gishlick AD. 2004. Evolutionary paths to irreducible systems: the avian flight apparatus. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism, p 58-71. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Gould SJ, Vrba ES. 1982. Exaptation: a missing term in the science of form. Paleo- biology 8:4-15.
Hall BG. 1982. Evolution in a Petri dish: the evolved ß-galactosidase system as a model for studying acquisitive evolution in the laboratory. Evolutionary Biology 15:85-150.
Hall BG. 1988. Adaptive evolution that requires multiple spontaneous mutations. I. Mutations involving an insertion sequence. Genetics 120:887-897.
Haught JF. 2004. Darwin, design, and divine providence. In: Dembski WA, M. Ruse M, editors, Debating Darwin: From Darwin to DNA, p 229-245. Cambridge: Cambridge University Press.
Helgen KM. 2004. Meyer paper: don't hang the Soc. Wash. out to dry. Nature 432:949.
Hirotsune S. and 8 others. 2003. An expressed pseudogene regulates the messenger-RNA stability of its homologous coding genes. Nature 423:91-96 (see also comment on p 26-28).
Hurd GS. 2004. The explanatory filter, archaeology, and forensics. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails, p 107-120. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Johnson PE. 1991. Darwin on Trial. Downers Grove, IL: InterVarsity Press.
Johnson PE. 1995. Reason in the Balance: The Case Against Naturalism in Science, Law and Education. Downers Grove, IL: InterVarsity Press.
Johnson PE. 1997. Defeating Darwinism by Opening Minds. Downers Grove, IL: Inter- Varsity Press.
Johnson PE. 2000. The Wedge of Truth: Splitting the Foundations of Naturalism. Downers Grove, IL: InterVarsity Press.
Ligon DB, Lovern MB. 2004. Meyer publication worse than just bad science. Nature 432:949.
Martin AJ. 2001. Introduction to the Study of Dinosaurs. Malden, MS: Blackwell Science.
Mattick JS. 2004. The hidden genetic program of complex organisms. Scientific American (Oct.):60-67.
Meyer SC. 2004. The origin of biological information and the higher taxonomic categories. Proceedings of the Biological Society of Washington 117:213-239.

Meyer SC, Mimich S, Moneymaker J, Nelson PA, Seelke R. 2007. Explore Evolution. Melbourne, Australia: Hill House Publishers.
Miller KC. 1999. Finding Darwin's God: A Scientist's Search for Common Ground Between God and Evolution. NY: HarperCollins Publishers.
Miller KC. 2004. The flagellum unspun: the collapse of "irreducible complexity." In: Dembski WA, Ruse M, editors, Debating Darwin: From Darwin to DNA, p 81-97. Cambridge: Cambridge University Press.
Musgrave I. 2004. Evolution of the bacterial flagellum. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism, p 72-84. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Norell M, Ji Q, Gao K, Yuan C, Zhao Wang YL. 2002. 'Modern' feathers on a non-avian dinosaur. Nature 416:36-37.
Nowak R. 1994. Mining treasures from "junk DNA." Science 263:608-610.
Ochert A. 1999. Transposons: so-called junk DNA proves its worth: first in corn, now in creatures like us. Discover Genetics 20 (12):59-66.
Ostrom JH. 1994. On the origin of birds and of avian flight. In: Prothero DR, Shoch RM, editors, Major Features of Vertebrate Evolution, p 160-177. Short Courses in Paleontology, No. 7. The Paleontological Society.
Pennock RT. 2003. Creationism and intelligent design. Annual Review of Genomics and Human Genetics 4:143-163.
Pennock RT. 2004. DNA by design? Stephen Meyer and the return of the god hypothesis. In: Dembski WA, Ruse M, editors, Debating Darwin: From Darwin to DNA, p 130- 148. Cambridge: Cambridge University Press.
Pearson H. 2004. 'Junk' DNA reveals vital role. Nature Science Update, May 10. www.nature.com/nsu/040503/040503-9.html.
Perakh M. 2004. There is a free lunch after all: William Dembski's wrong answers to irrelevant questions. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism., p 153-171. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Pollard KS, and 15 others. 2006. An RNA genes expressed during cortical development evolved rapidly in humans. Nature 443:167-172 (see also comment on p 149-150).
Ratzsch D. 2001. Nature, Design and Science: The Status of Design in Natural Science. Albany, NY: State University of New York Press.
Reynaud C, Dahan A, Anquez V, Weill J. 1989. Somatic hyperconversion diversifies the single VH genes of the chicken with a high incidence in the D region. Cell 59:171-183.
Scott EC. 2004. Evolution vs. Creationism: An Introduction. Westport, CT: Greenwood Press.
Shallit J, W. Elsberry W. 2004. Playing games with probability: Dembski's complex specified complexity. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism, p 121-138. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Shanks N, Joplin KH. 2007. Behe, biochemistry, and the invisible hand. Philo 4(1):1-16. http://www.philoonline.org/library/shanks 4 1.htm
Shanks N, Karsai I. 2004. Self-organization and the origin of complexity. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism, p 85-106. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Shanks N, Joplin KH. 1999. Redundant complexity: a critical analysis of intelligent design in biochemistry. Philosophy of Science 66:268-298.
Spetner L. 1998. Not by Chance! Shattering the Modern Theory of Evolution. Brooklyn, NY: The Judaica Press.
Thaxton CB, Bradley WL, Olsen RL. 1984. The Mystery of Life's Origin: Reassessing Current Theories. NY: Philosophical Library.
The ENCODE Project Consortium. 2007. Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project. Nature 447:799-816.
Terry M. 2004. One nation, under the designer. Phi Delta Kappan December 2004:264- 270.
Ussery D. 2004. Darwin's transparent box: the bioquímico evidence for evolution. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism, p 48-57. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Weber BH, Depew DJ. 2004. Darwinism, design, and complex systems dynamics. In: Dembski WA, Ruse M, editors, Debating Darwin: From Darwin to DNA, p 173-190. Cambridge: Cambridge University Press.
Wood TC. 2002. The ageing process: rapid post-flood intrabaraminic diversification caused by altruistic genetic elements (AGES). Origins 54:5-34. (grisda.org)
Young M. 2004. Grand designs and facile analogies: exposing Behe's mousetrap and Dembski's arrow. In: Young M, Edis T, editors, Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism, p 20-31. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
Young M, Edis T, editors. 2004. Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.